

This Page Is Inserted by IFW Operations
and is not a part of the Official Record

BEST AVAILABLE IMAGES

Defective images within this document are accurate representations of the original documents submitted by the applicant.

Defects in the images may include (but are not limited to):

- BLACK BORDERS
- TEXT CUT OFF AT TOP, BOTTOM OR SIDES
- FADED TEXT
- ILLEGIBLE TEXT
- SKEWED/SLANTED IMAGES
- COLORED PHOTOS
- BLACK OR VERY BLACK AND WHITE DARK PHOTOS
- GRAY SCALE DOCUMENTS

IMAGES ARE BEST AVAILABLE COPY.

**As rescanning documents *will not* correct images,
please do not report the images to the
Image Problem Mailbox.**

BLASTP 2.2.6 [Apr-09-2003]

Reference:

Altschul, Stephen F., Thomas L. Madden, Alejandro A. Schäffer, Jinghui Zhang, Zheng Zhang, Webb Miller, and David J. Lipman (1997), "Gapped BLAST and PSI-BLAST: a new generation of protein database search programs", Nucleic Acids Res. 25:3389-3402.

Query=

(114 letters)

Database: migallaseq

241 sequences; 23,537 total letters

Searchingdone

Sequences producing significant alignments:

	Score (bits)	E Value
J558.5	<u>183</u>	6e-50
45.21.1	<u>183</u>	6e-50
J558.11	<u>181</u>	3e-49
J558.3	<u>181</u>	3e-49
J558.2	<u>179</u>	8e-49
J558.8	<u>179</u>	8e-49
J558.4	<u>176</u>	7e-48
VH108A	<u>176</u>	9e-48
J558.1	<u>174</u>	2e-47
J558.12	<u>174</u>	2e-47
J558.6	<u>173</u>	4e-47
J558.7	<u>173</u>	4e-47
J558.1	<u>172</u>	8e-47
J558.9	<u>172</u>	8e-47
VH105	<u>168</u>	1e-46
J558.47	<u>168</u>	2e-45
J558.29	<u>163</u>	6e-44
V23	<u>163</u>	6e-44
J558.d	<u>163</u>	6e-44
J558.42	<u>162</u>	1e-43
V186.2	<u>162</u>	1e-43
VHF102	<u>161</u>	2e-43
J558.36	<u>161</u>	2e-43
J558.30	<u>159</u>	7e-43
J558.27	<u>159</u>	7e-43

SEQ ID No: 7
in guideline ✓

Database: migaIlaaseq

Posted date: Aug 27, 2002 4:57 PM

Number of letters in database: 23,537

Number of sequences in database: 241

Lambda K H
0.313 0.130 0.399

Gapped K H
Lambda K H
0.267 0.0410 0.140

Matrix: BLOSUM62

Gap Penalties: Existence: 11, Extension: 1

Number of Hits to DB: 16,624

Number of Sequences: 241

Number of extensions: 612

Number of successful extensions: 237

Number of sequences better than 1.0e-25: 101

Number of HSP's better than 0.0 without gapping: 99

Number of HSP's successfully gapped in prelim test: 2

Number of HSP's that attempted gapping in prelim test: 136

Number of HSP's gapped (non-prelim): 101

length of query: 114

length of database: 23,537

effective HSP length: 45

effective length of query: 69

effective length of database: 12,692

effective search space: 875748

effective search space used: 875748

T: 11

A: 40

X1: 16 (7.2 bits)

X2: 38 (14.6 bits)

X3: 64 (24.7 bits)

S1: 42 (21.9 bits)

S2: 255 (102.8 bits)

GL ID#	QUERY	1	EVQLQSGPDLVPGASVKISCKASGYSFT	GYIYH	WKQSHGKSLIEWIG	RVIPNNGTSTY	60
ND							
89	J558.5*	1E.....T..T..	E.TM.GIN.....		60
89	45.21.1*	1E.....T..	D.MNDIN.....		60
87	J558.11*	1	.I.....E.M.....	S.M.YID.F.....		60

Versus
germline
(CDR3)

87	J558.3	1E.....M.....T..	D..MK	DIN.....	60
88	J558.2	1E.....E.....M.....V.....	..IN.Y.A...	60	
86	J558.8	1E.....M.....TWNN.....LIN.Y..N.	60	
85	J558.4	1E.....M.....T..	D..MK	DIN...D.F.	60
85	VH108A	1E.....T..	D..NM	YIY.Y...G.	60
84	J558.1	1	..I.....E.....V.....	D..NMV	XID.Y.....	60
85	J558.12	1E.E.....NNNN.....NID.YY.....	60	
85	J558.6	1	..L.....E.....P.....T..	D..NMD	DIN.....I.	60
83	J558.7	1F.E.LR.....M.....T..	D..MD	E.F.....N.Y.....	60
84	J558.1	1E..T.....M.....M.....YISCY.A...	60	
82	J558.9	1	K.V.....E.....M.....TWNN.D..	LIN.YH.....	60
77	VH105	1	Q.....E.....T..	S....	RP.QG.....YIY.RD.S.N.	60
79	J558.47	1E.....M.....T..	S.VM.	KP.QG.....YIN.Y.D.K.	60
77	J558.29	1	Q.....E.....R.....T..	S....	RP.QG.....WIIY.G.VN.K.	60
76	V23	1	Q.....P.TE.....L.....T..	S.WM.	RP.QG.....NIN.S...N.	60
77	J558.d	2	-.....P.AE.....L.....T..	S.WM.	KP.R.....ID.S...K.	60
77	J558.42	1	Q.....P.AE.....M.....T..	S.NM.	TP.QG.....AIY.G.D...	60
77	V186.2	2	-.....P.AE.....L.....T..	S.WM.	RP.RG.....ID.S...K.	60
75	VHF102	1	QI.....E.....T..	D..N	KP.QG.....WIIY.GS.N.K.	60
76	J558.36	2	-.....P.AE.....L.....T..	S.WM.	RP.RG.....ID.S...K.	60
76	J558.30	1	Q.....E.....R.....F..T..	S....	RP.QG.....WIIY.G.VN.K.	60
75	J558.27	1	Q.....E.....M.....T..	S....	RP.QG.....WIIY.GD.S.K.	60
76	J558.m	1E.....M.....T..	D.VM.	KP.QG.....YIY.Y.D.E.	60
75	J558.33	1	Q.....P.AE.....L.....T..	S.WM.	RP.QG.....EIN.S..R.N.	60
76	J558.35	1	Q.....AE.....L.....T..	S..MY	RP.QG.....EIN.S...NF	60
GL ID#	<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<<					

	88	J558.2	61	.N.D	.S.....H.....	98
	86	J558.8	61T.....L.....	98
	85	J558.4	61T.....Q.N.....	98
	85	VH108A	61S	.T...N.....S.....	98
	84	J558.1	61T.....F.H.N.....	98
	85	J558.12	61T.....Q.K.....	98
	85	J558.6	61T.....T.....	98
	83	J558.7	61T.A.....N.....	98
	84	J558.1	61TF..T.....QFN.....	98
	82	J558.9	61T.....T.L.....-	97
	77	VH105	61	.E....	.T.A.T.....Q.S.....F...	98
	79	J558.47	61	.E....	.T.S.....S.....	98
	77	J558.29	61	.E....	.T.A.....Q.S.....F...	98
	76	V23	61	.E..S	.T.....Q.S.....	98
	77	J558.d	61	.E..S	.T...P.....Q.S.....T.	98
	77	J558.42	61T.A.....Q.S.....	98
	77	V186.2	61	.E..S	.T...P.....Q.S.....	98
	75	VHF102	61	.E....	.T...T.....Q.S.....T..F...	98
	76	J558.36	61	.E..S	.T...P.....Q.S.....T.	98
	76	J558.30	61	.E....	.T.A.....Q.S.....F...	98
	75	J558.27	61	.E....	.TT.A.....L.S.....I.F...	98
	76	J558.m	61	TE....	.T.L.....D.S.....T.....	98
	75	J558.33	61	.E..S	.T.....Q.S.....	98
	76	J558.35	61	.E..S	.T.....Q.S.....--	96

BLASTP 2.2.6 [Apr-09-2003]

Reference:

Altschul, Stephen F., Thomas L. Madden, Alejandro A. Schäffer, Jinghui Zhang, Zheng Zhang, Webb Miller, and David J. Lipman (1997), "Gapped BLAST and PSI-BLAST: a new generation of protein database search programs", Nucleic Acids Res. 25:3389-3402.

Query=

(114 letters)

Database: igSeqProt

32,732 sequences; 3,779,177 total letters

Searching done

Sequences producing significant alignments:

			Score E (bits) Value
gi	3561044	gb AAC35164.1	210 3e-56
gi	2895955	gb AAC03071.1	204 2e-54
gi	3212408	pdb 1A6T D Chain D, Fab Fragment Of Mab1-Ia Mono...	204 2e-54
gi	3212406	pdb 1A6T B Chain B, Fab Fragment Of Mab1-Ia Mono...	204 2e-54
gi	33417043	gb AAH55910.1	201 1e-53
gi	22531696	dbj BAC10641.1	201 2e-53
gi	21304450	emb CAD32498.1	200 3e-53
gi	21304449	emb CAD32497.1	200 3e-53
gi	288838	emb CAA80023.1	199 5e-53
gi	194510	gb AAA51044.1	199 6e-53
gi	29725579	gb AAO89516.1	198 8e-53
gi	6688698	emb CAB65236.1	198 8e-53
gi	2052431	gb AAB53405.1	198 8e-53
gi	110101	pir I37267 Ig heavy chain V region (129) - mouse	197 2e-52
gi	34539550	gb AAQ74666.1	196 3e-52
gi	6688700	emb CAB65237.1	196 3e-52
gi	1407742	gb AAB03592.1	196 3e-52
gi	123790	sp P01757 HV13 MOUSE IG HEAVY CHAIN V REGION J558	196 4e-52
gi	69903	pir MHMSJ7 Ig heavy chain V region (J558) - mouse...	196 4e-52
gi	193747	gb AAA37775.1	196 4e-52
gi	5690323	gb AAD47037.1	195 7e-52
gi	297732	emb CAA80045.1	195 9e-52
gi	288818	emb CAA80085.1	194 1e-51
gi	309355	gb AAA38518.1	194 1e-51
gi	193749	gb AAA37776.1	194 1e-51

SEQ ID No: 7
in Ig

Database: igSeqProt
Posted date: Oct 27, 2003 4:03 PM
Number of letters in database: 3,779,177
Number of sequences in database: 32,732

Lambda K H
0.313 0.130 0.399

Gapped K H
Lambda K H
0.267 0.0410 0.140

Matrix: BLOSUM62

Gap Penalties: Existence: 11, Extension: 1

Number of Hits to DB: 2,258,781

Number of Sequences: 32732

Number of extensions: 106964

Number of successful extensions: 48948

Number of sequences better than 1.0e-25: 250

Number of HSP's better than 0.0 without gapping: 7279

Number of HSP's successfully gapped in prelim test: 2159

Number of HSP's that attempted gapping in prelim test: 34534

Number of HSP's gapped (non-prelim): 9510

length of query: 114

length of database: 3,779,177

effective HSP length: 74

effective length of query: 40

effective length of database: 1,357,009

effective search space: 54280360

effective search space used: 54280360

T: 11

A: 40

X1: 16 (7.2 bits)

X2: 38 (14.6 bits)

X3: 64 (24.7 bits)

S1: 42 (21.9 bits)

S2: 271 (109.0 bits)

GL	ID#	<-----FWR1----->	<CR1>	<-----FWR2----->	<-----CDR2		
ND	QUERY	1	EVQLQSGPDLVKKPGASVKISCKASGYSFT	GYIH	WVKQSHGKSLIEWIG	RVIPNNGTSTY	60
●	89	J558.5*	1E.....T..T..	E.TM.GIN.....	60
●	89	45.21.1*	1E.....T..	D.MNDIN.....	60
●	87	J558.11*	1E.M.....	S.M.YID.F.....	60
●	88	AAC35164	1	Q.....	M.N.....	60

86	AAC03071	1	S	T.M.	D.D.	..F	60
86	1A6T D	1	S	T.M.	D.D.	..F	60
86	1A6T B	1	S	T.M.	D.D.	..F	60
83	AAH55910	20	E.	T.	..M.	79
84	BAC10641	1	E.	T.	E.TM.	60
82	CAD32498	20	ER.	T.	D.MN	79
82	CAD32497	20	ER.	T.	D.MN	79
83	CAA80023	1	E.	D.	M.	60
85	AAA51044	4	D.	L.	N.P.	63
84	AAO89516	1	E.	D.	M.	..L.	59
82	CAB65236	1	E.	M.	T.	60
83	AAB53405	20	E.	T.	D.MN	79
79	I37267	6	E.	T.	T.	E.TM.	64
87	AAQ74666	1	M.	52
81	CAB65237	1	E.	M.	T.	60
80	AAB03592	1	E.	FMN	60
82	P01757	1	E.	M.	T.	60
82	MHMSJ5	1	E.	M.	T.	60
82	AAA37775	18	E.	M.	T.	77
81	AAD47037	1	E.	T.	T.	E.TM.	60
79	CAA80045	1	E.	M.	T.	60
81	CAA80085	1	E.	M.	T.	60
82	AAA38518	1	E.	D.	M.	60
82	AAA37776	18	E.	M.	T.	77
GL	ID#		----->	<-----	-----	-----	-----	-----	
ND	QUERY	61	NOKFKG	KAILTVDKSSSTAYMELRSLTSEDSAVYYCA	-----R	-----E	-----G	-----IY	102
89	J558.5*	61	T.	98
89	45.21.1*	61	T.	G.	98
87	J558.11*	61	T.	H.S.	98
88	AAC35164	61	N.	T.	A-T	102
86	AAC03071	61	G.	R-D	102
86	1A6T D	61	G.	R-D	102
86	1A6T B	61	G.	R-D	102

83	AAH55910	80T.....N.....	YYY---S---S-	124
84	BAC10641	61T.....	---R-D---MD-	102
82	CAD32498	80	...E.	.T.....	---G---LH-	121
82	CAD32497	80	...E.	.T.....	---G---LH-	121
83	CAA80023	61T.....H.	---R---TT	103
85	AAA51044	64I.....	---T	---A-T---FG-	105
84	AAO89516	60	...T.F.....	---RNFA---LD-	103
82	CAB65236	61T.....Q.N.	---D-K---D.Y	103
83	AAB53405	80T.....KGLP.	---Y-Y---FD-	125
79	I37267	65T.....	---R---LTT	107
87	AAQ74666	53V.....	---G---YLGAMD-	98
81	CAB65237	61T.....Q.N.	---D-R---Y.A	103
80	AAB03592	61T.....H.	---G---N.P	103
82	P01757	61T.....Q.N.	---D-R---	101
82	MHMSJ5	61T.....Q.N.	---D-R---	101
82	AAA37775	78T.....Q.N.	---D-S---N.Y	120
81	AAD47037	61T.....K	---KVR---Y.A	105
79	CAA80045	61T.....L.....Q.N.	GETTVGK---Y.F	110
81	CAA80085	61T.....L.....Q.N.	---D---Y.G	103
82	AAA38518	61T.....H.XY---	---D---TFD	105
82	AAA37776	78T.....Q.N.	---D-Y---S.V	120
GL ID#								
ND	QUERY	103	-----W-----	WGHTTLTVSS	114			
89	J558.5*		-----					
89	45.21.1*		-----					
87	J558.11*		-----					
88	AAC35164	103	-----Y-----	Q.PV...	114			
86	AAC03071	103	-----YFDF-	Q.S....	117			
86	1A6T D	103	-----YFDF-	Q.S....	117			
86	1A6T B	103	-----YFDF-	Q.S....	117			
83	AAH55910	125	-----YFDV.	A.V....	140			
84	BAC10641	103	-----Y-----	Q.SV...	114			
82	CAD32498	122	-----FPY-	Q.LV..A	136			
82	CAD32497	122	-----FPY-	Q.LV..A	136			

83	CAA80023	104	VFD-----Y-----Q.....	118
85	AAA51044	106	-----Y-----Q..LV...A	117
84	AAO89516	104	-----Y-----Q...V....	115
82	CAB65236	104	FD-----Y-----Q.....	117
83	AAB53405	126	-----Y-----Q.....	137
79	I37267	108	VVAKSYFPDY-----Q.....	128
87	AAQ74666	99	-----Y-----Q..SV....	110
81	CAB65237	104	MD-----Y-----Q..SV....	117
80	AAB03592	104	YYYAMD--Y-----Q..SV....	121
82	P01757	102	-----YFPDV..A..V....	117
82	MHMSJ5	102	-----YFPDV..A..V....	117
82	AAA37775	121	FD-----Y-----Q.....	134
81	AAD47037	106	MD-----Y-----Q..SV....	119
79	CAA80045	111	D-----Y-----Q.....	123
81	CAA80085	104	SNFD-----Y-----Q.....	118
82	AAA38518	106	-----Y-----Q.....	117
82	AAA37776	121	FD-----Y-----Q.....	134